

작물학적 형질과 RAPD에 의한 찰벼 수집종의 유전적 다양성

김국환* · 김홍식* · 이석영** · 정봉환* · 송범헌* · 조용구*†

*충북대학교 식물자원학과, **농업생명공학원

Genetic Diversity of Glutinous Rice Collections Based on Agronomic Traits and RAPDs

Guk-Hwan Kim*, Hong-Sig Kim*, Seok-Young Lee**, Bong-Hwan Chung*,
Beom-Heon Song*, and Yong-Gu Cho*†

*Dept of Crop Science, Chungbuk Nat'l University, Cheongju 361-763, Korea

**Genetic Resources Div., National Institute of Agricultural Biotechnology, Suwon 441-707, Korea

ABSTRACT : One hundred eleven glutinous rice collections from seven countries were evaluated for genetic diversity based on agronomic traits and RAPD analysis. Twelve agronomic traits including yield components amylose content, alkali digest value were used to clarify the genetic relationships among glutinous rice collections. Glutinous rice collections were classified into 4 groups and early maturings Korean landraces and high amylose indica belonged to group I with RAPD analysis, 15 primers selected for polymorphic bands generated 117 bands and 81 bands (69.2%) showed polymorphism. The number of amplified bands per primer ranged from 5 to 11, with the average number of bands of 7.8. With the similarity value of 0.78 in dendrogram derived from the cluster analysis based on RAPDs, glutinous rice collections were classified into 9 groups. Seventy-seven percent of the collections were classified into group I that is the largest one, while the others (23 %) were distributed to group II-IX. Group I included most *indica* type rices and early ripening collections, while the small groups of III-IX included most of the Korean collections.

Keywords: glutinous rice, agronomic traits, RAPD, dendrogram

벼는 전분특성에 의해 찰벼와 메벼로 구분되는데 일반적으로 찰벼 품종은 아밀로스 함량이 거의 없는 것으로 알려져 있으나, 실제로 많은 찰벼 품종들은 다양한 변이에 의하여 낮은 수준의 아밀로스를 포함하고 있는 것으로 알려져 있다

최근 국내에서 다양한 아밀로스 함량의 특수미를 개발하기 위한 연구가 활발히 진행되고 있으며, 이에 따라 찰벼 품종 육성에도 관심이 집중되고 있다 이와 같은 찰벼 특수미 품종

육성을 효율적으로 수행하기 위해서는 세계적으로 쌀의 형태 및 이화학적 특성이 다양한 찰벼 유전자원을 수집, 평가하여 육종재료로 사용하는 것이 매우 중요하다

작물의 유전적 다양성을 분석하기 위하여 주로 작물의 형태적 형질, 생리적 형질을 이용한 주성분 분석법, Pearson의 Coefficient of racial likeness와 Mahalanobis의 Generalized distance(D2)를 이용한 다변량 분석법, 분자표지인자의 차이에 의한 유사성 정도나 유전적 거리를 이용한 Cluster 분석 방법 등이 이용되어 왔다. 또한, 형태적 특성에 의한 식물학적 분류 방법 이외에 단백질, 동위효소 등이 이용되어 왔고(Brown, 1990), 분자생물학적 표지인자를 이용하는 방법으로 RFLP (Olufowote 등, 1997)와 RAPD(권 등, 1999), SSR(Wu & Tanksley, 1993), AFLP(Aggarwal 등, 1998) 등이 널리 이용되고 있다.

은 등(1990)은 한국벼 재래종의 동위효소 형태특성에 의해 품종군을 분류하여 259개 품종을 15개 군으로 분류하였고, 권 등(2000)은 우리나라 재래벼의 유전적 다양성에 대하여 보고하였다 Yu & Nguyen(1994)은 RFLP 기술을 이용하여 벼의 품종을 분류하였고, 지 등(1998)은 유전자 지도상의 위치가 결정된 85개의 SSR 마커를 사용하여 한국, 일본, 미국, 러시아 등에서 육성된 51개 *japonica* 품종들의 다형성을 조사하였다

지금까지 벼의 품종군 분류나 유전적 변이에 대한 연구는 형태적, 생태적 분석, 동위효소분석, DNA 분석 등 다양하게 이루어졌으나 찰벼의 유전자원에 대해서는 동위효소분석을 이용한 품종군 분류(은 등, 1991)와 몇 가지 미질 관련 형질에 의한 분류가 일부 보고 되었을 뿐 유전자원의 효율적 활용을 위한 연구가 미비한 상태이다.

따라서 본 연구는 국내·외 찰벼 수집종의 생육특성, 수량 구성 요소 및 주요 이화학적 특성에 의한 찰벼의 분류와 RAPD에 의한 유전적 다양성을 분석하여 찰벼 품종육성을 위한 기초 자료로 이용하고자 하였다

†Corresponding author (Phone) 82-43-261-2514 (E-mail) ygcho@chungbuk.ac.kr
<Received December 6, 2004>

재료 및 방법

공시품종 및 재배관리

본 연구는 농촌진흥청 종자보급소에서 분양 받은 국내외에서 수집한 찰벼 유전자원을 사용하였다(Table 1). 공시된 유전자원은 국내 수집 17종을 포함하여 일본 수집 75종, 미국 수집 2종, 대만 수집 10종, 필리핀 수집 3종, 중국 수집 2종, 라오스 수집 2종 등 총 111종이었다. 작물학적 형질을 조사하기 위하여 2000년 5월 9일 기계이앙 상자에 파종 육묘하였고, 충북대학교 농과대학 실험농장에 6월 7일 30×15 cm로 하여 1주 1본식으로 1열에 12주씩 2~3열 이앙하였다. 시비량은 $N-P_2O_5-K_2O = 11-7-9$ Kg/10a 이었다. 기타 재배관리는 벼 표준 재배법에 준하였다.

농업형질의 조사

생육특성으로 출수기, 초장, 간장, 수장, 까락 유무의 5개 형질, 수량구성요소로 주당수수, 수당립수, 등숙률, 천립중의 4개 형질, 외관립질로 장폭비, 종자색의 2개 형질을 농촌진흥청 조사기준에 준하여 조사하였다. 출수일수는 이앙 후 출수기까지의 일수로 산출하였다. 아밀로스 함량은 Juliano의 방법(Juliano, 1971)으로 100 mesh 체로 거른 찹쌀가루 100 mg에 95% 에탄올 1 ml와 NaOH 9 ml를 첨가하여 100°C의 온도에서 호화, 냉각 후 이것을 100 ml로 부피를 맞추고, 이 용액 5 ml를 취하여 여기에 1N acetic acid 1 ml와 iodine 용액(0.2 g $I_2 + 2.0$ g KI/100 ml) 2 ml를 첨가 후 다시 100 ml로 부피를 맞추었다. 이 용액을 실온에서 20분간 방치 후, 620 nm에서 흡광도를 측정하였으며, 표준용액은 감자 아밀로스(Sigma)를 사용하였다. 알칼리 붕괴도(A.D V)는 쌀알 6립을 1.6% KOH 용액에 담그고, 30°C에서 23시간 두었다가 쌀알의 붕괴 정도를 1~7 등급으로 달관조사 하였다.

DNA 추출 및 PCR 분석

찰벼 종자 1개를 영(穎)을 제거하여 1 ml 튜브에 넣고 400 μ l 추출용액(1M Tris-HCl pH 8.0 10 ml, 5M NaCl 4 ml, 0.25M EDTA 20 ml, dH₂O 66 ml)을 첨가하여 37°C에서 1시간 동안 반응시킨 후 유리봉으로 종자를 곱게 마쇄 한 뒤 5 μ l proteinase K를 첨가하여 37°C에서 10분간 반응시켰다. 종자의 DNA 추출은 저장 단백질이나 지방 등 불순물들이 많이 잔존하여 순도가 떨어지기 때문에 불순물을 제거하고 순도를 높이기 위해 Phenol:Chloroform Isoamyl alcohol(25:24:1) 동일량을 처리하고, 5분간 조심스럽게 Inverting 시킨 후 12,000 rpm에서 원심분리하여 상등액을 새 튜브에 옮겼다. 다시 Chloroform Isoamyl alcohol(24:1)을 동일량 처리하여 10분간 Inverting 시키고, 12,000 rpm에서 원심분리하여 상등액을 추출한 다음 2 μ l RNase를 첨가 후 10분간 37°C에서 반응시켰다 2/3~1 volume의 isopropanol을 첨가하여 DNA를

응축시킨 뒤 12,000 rpm으로 4°C에서 10분간 원심분리하여 DNA를 침전시켰다. 상등액을 버리고 70% cold ethanol로 세척 후 12,000 rpm으로 5분간 원심분리하여, 튜브에 든 DNA를 풍건하여 70 μ l TE buffer에 DNA를 녹였다(강 등 1998).

Primer는 Operon사의 10-mer로 구성된 OPAB, OPA, OPB, OPC의 80개를 가지고 찰벼의 DNA를 증폭 후 아가로스겔 전기영동을 수행하였고 다형상 band를 보이는 primer를 선별하여 111개 찰벼 유전자원의 유연관계 분석에 사용하였다.

PCR 반응조건은 주형 DNA 3 μ l, dNTP 2 μ l, random primer 3 μ l, 10x PCR buffer(1M Tris-HCl pH 8.3 1 ml, 1M KCl 5 ml, 1M MgCl₂ 150 μ l, dH₂O 3.85 ml, Gelatin 10 mg) 3 μ l, Tag polymerase 0.5 μ l를 혼합하여 총반응액을 30 μ l로 하였다.

DNA 증폭은 MJ Research사의 Thermal Cycler(PTC-100, USA)를 사용하여 Hot step을 94°C에서 5분간 실시하였고, 94°C에서 1분간 denaturation, 35°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 2분간 extension의 과정을 총 40회 반복하여 수행하였다. 증폭된 DNA는 0.5X TAE buffer를 사용하여 1% agarose gel에서 50V로 전기영동 후 ethidium bromide로 20분 staining, 40분 destaining 후 band를 확인하였다.

유연관계분석

찰벼 유전자원의 농업형질에 대한 유연관계의 분석은 SAS program의 Proc cluster를 이용하여 complete linkage cluster analysis 방법으로 dendrogram화 하였다(SAS 2001). 또한, RAPD 밴드를 이용한 유연관계의 분석은 NTSYS program ver. 1.70을 사용하여 비가중 평균결합법(UPGMA; unweighted pair group mean arithmetic)으로 군집 분석하여 dendrogram을 작성하였다. 유전자원군간 또는 유전자원간의 유사도는 각각 유전자원군에 속하는 모든 가능한 조합의 유사도를 합한 후 조합수로 나누어 계산하였다. 평균유사도가 1이면 유전적으로 완전히 동일하며, 평균유사도가 0이면 유전적 동일성이 없다.

결과 및 고찰

생육특성으로 출수기, 초장, 간장, 수장, 까락 유무의 5개 형질, 수량구성요소로 주당수수, 수당립수, 등숙률, 천립중의 4개 형질, 외관립질로 장폭비, 종자색의 2개 형질 등 15개의 주요 형질을 이용하여 찰벼유전자원들에 대한 군집분석 결과 그림 1과 같이 군집간 최대거리 18을 기준으로 하여 분류하였을 때 4 개군으로 분류되었다. I군은 국내수집 9종, 필리핀수집 2종 등 총 51종이 속하였으며, 전 공시종의 45.9%를 차지하였는데, 조생형 유전자원은 대부분 I군에 속하였다. II군은 대만수집 3종, 국내수집 5종 등 총 25종(22.5%)이 속하였다. III군은 대만수집 3종, 필리핀수집 1종 등 총 25종 (22.5%)이 속하였

Table 1. Glutinous rice accessions of domestic and abroad origins.

No.	Name	Acc.No ¹⁾	Origin	No.	Name	Acc.No	Origin
01	YUKIMOCHI	014663	Japan	57	KOKESHIMOCHI	012726	Japan
02	AOMORIMOCHI	010129	Japan	58	KOKIOUZINDO	012728	Korea
03	BEONGOK	080295	Korea	59	KOSHIOUTAKA	012771	Japan
04	BOBUNA	016427	Japan	60	KOTOBUKIMOCHI	012781	Japan
05	CHEJANGNA	018842	Japan	61	KOYANEMOCHI	012785	Japan
06	CHEONEUNNA	018791	Japan	62	KYRENAIMOCHI	012813	Japan
07	CHEONJANGJEOL	018794	Japan	63	KWANS-FU 1	012834	Japan
08	CHOCHUKNA	018849	Japan	64	LITCHIKING	012890	Thailand
09	BONNET 73	010907	USA	65	MANGETSUMOCHI	012957	Thailand
10	DAEBAEGNA	015791	Japan	66	MANGHWNA	012061	Japan
11	DAEGUNA	015756	Korea	67	MANJAKNA	012055	Thailand
12	DAEJEONGNA	080237	Japan	68	MIJANGNA	012149	Japan
13	DAEJODO	015835	Korea	69	MINAMIHATAMOCHI	013006	Japan
14	DAIGOLNA	015736	Korea	70	MITSUHATAMOCHI	013022	Japan
15	DOAJI	015915	Korea	71	MIZUHOTAMOCHI	013021	Japan
16	DODONA	015906	Japan	72	MUBOAIKOKA	013041	Japan
17	GABBAENA	080104	Japan	73	MYEONDOBAEG	080264	Japan
18	GAGURAMOCHI	012407	Japan	74	MYEONGSINNA	016076	Japan
19	GANGCHEONNA	014774	Japan	75	NAGDAMI	080053	Philippine
20	GANGNAMDO	014752	Thailand	76	NAGURAMOCHI	013109	Japan
21	GANGREUNGDO	014763	Korea	77	NAJAEMOCHI	013153	Japan
22	GANGWEONNA	014772	Korea	78	NIGAWAMOCHI	013165	Japan
23	GGAEBYEO	014688	Korea	79	NIJIMOCHI	013178	Japan
24	GOSANG	080132	Japan	80	NISHIKIMOCHI	013191	Japan
25	GUANOMOCHI	011460	Japan	81	OWARIMOCHI	080059	Japan
26	GUJU	080137	Korea	82	PALAWAN	080063	Philippine
27	GUJUNGDO	015049	Korea	83	PUNGEONNA	019013	Japan
28	GUMINA	015033	Japan	84	PD-II	013536	Thailand
29	GUWANOMOCHI	011469	Japan	85	REISHIKO	013577	Japan
30	HAKAKINUMOCHI	011526	Japan	86	SAMJEONG	016605	Japan
31	HANGHWANGMYEON	019067	Thailand	87	SEOKBAEKNA	016677	Japan
32	HATAMINORIMOCHI	080095	Japan	88	SHINONOMEMOCHI	013930	Japan
33	HATSIWAIMOCHI	011557	Japan	89	SHINTAISHYOMOCHI	013952	Japan
34	HEIWAMOCHI	011583	Japan	90	SHINTSURUMOCHI	013938	Japan
35	HEUGBAL	019238	Korea	91	SUSONOMOCHI	080078	Japan
36	HUGDAEJANG	019234	Japan	92	SUJUHARAMOCHI	014074	Japan
37	HIKOTAROMOCHI	011591	Japan	93	TA-PO-CHOU	019775	China
38	HOCHOKJINDO	019094	Korea	94	TACHIMINORI	080080	Japan
39	HONEN	011691	Japan	95	TAEGOKNA	018913	Japan
40	HONGGAKNA	019110	USA	96	TAETANGBYEONGWINA	018916	Japan
41	HONGNA	019117	Japan	97	TANCHUMOCHI	014271	Japan
42	HSIANGNUO 1	019426	Philippine	98	TATSUMIMOCHI	014285	Japan
43	HWNG-TSAN	011743	China	99	TD 46	014290	Thailand
44	IDALGEUNSEONG	017998	Japan	100	TOKESHIMOCHI	014398	Japan
45	ILBONNA	018216	Thailand	101	TONGILCHAL	018930	Korea
46	INAFUKUMOCHI	011835	Japan	102	TSUKIMIMOCHI	014478	Japan
47	IR29	011897	Philippine	103	U-IJUNGNA	017756	Japan
48	JANGNA	018261	Japan	104	UNGJEONG	080443	Korea
49	KAGURAMOCHI	012406	Japan	105	WASETORAMOCHI	014560	Japan
50	KAIRYOHUKOKU	080038	Japan	106	WATAKAMOCHI	014565	Japan
51	KAMAOKOSHI	080040	Korea	107	WEONKINA	017784	Japan
52	KANTOMOCHI 64	013499	Japan	108	YAKEIKO	014591	Japan
53	KHAMU	012652	Thailand	109	YANGDO	017570	Japan
54	KHAOKING	012655	Laos	110	YASHIROMOCHI	014621	Japan
55	KHAOKONDAM	012656	Laos	111	HANGANGCHAL	192007	Korea
56	KODOBUKIMOCHI	012712	Japan				

¹⁾Acc.No = Rural Development Administration (RDA) accession number

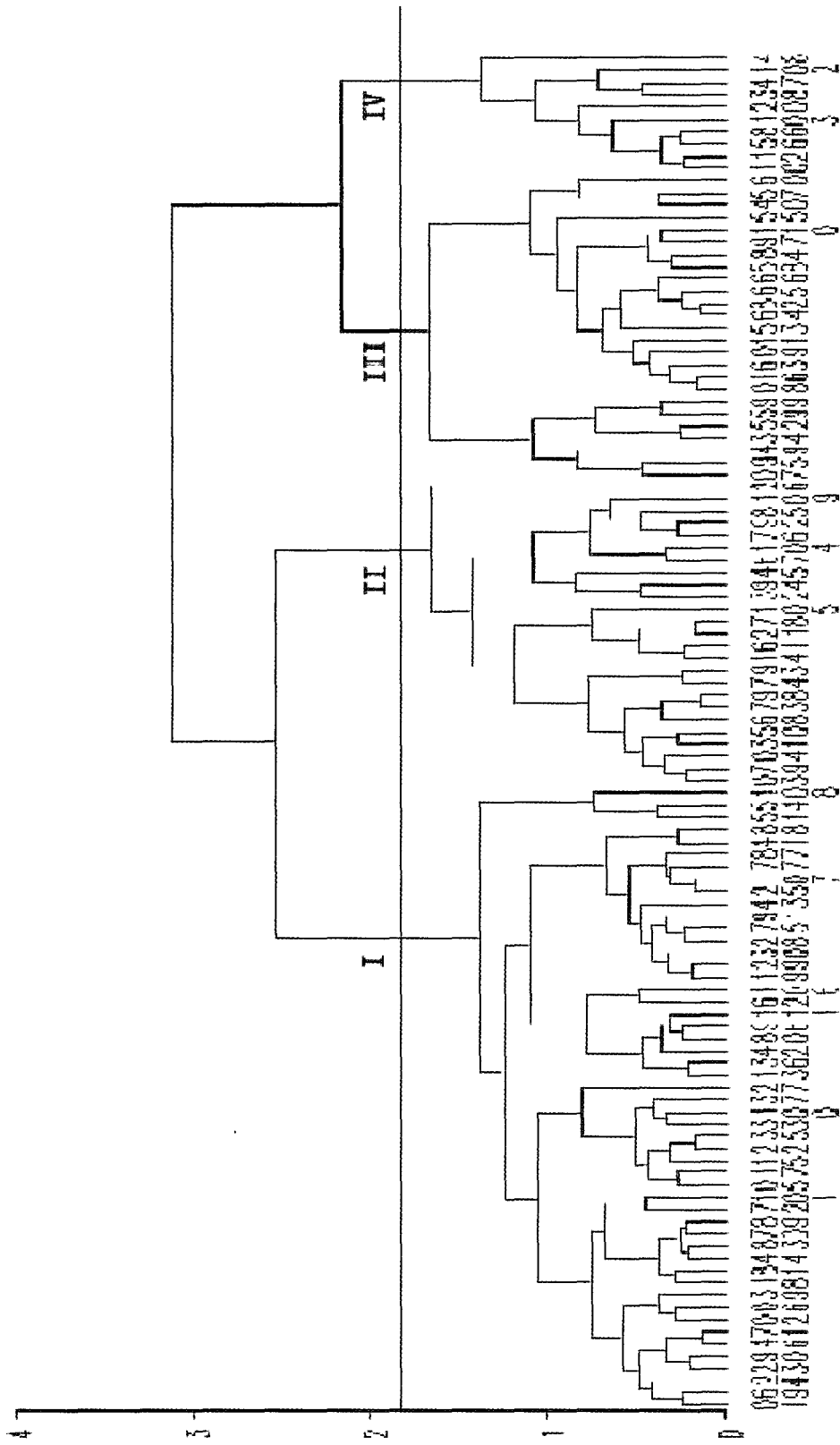


Fig. 1. Dendrogram of 111 glutinous rice collections by complete linkage cluster analysis based on 15 agronomic traits. The numbers refer to entry number in Table 1.

Table 2. Mean value and standard deviation of 12 agronomic characters of 4 groups of glutinous rice collections based on cluster analysis

Character	I	II	III	IV
No.of collections	51	25	25	10
Days to heading (days)	64 ± 7.63	77 ± 9.05	77 ± 6.57	80 ± 5.40
Plant height (cm)	109 ± 8.63	117 ± 8.34	125 ± 7.79	147 ± 10.87
Culm length (cm)	89 ± 8.11	99 ± 6.34	104 ± 9.03	123 ± 6.89
Panicle length (cm)	21 ± 3.41	18 ± 3.42	21 ± 2.93	24 ± 5.90
Panicles per hill (no.)	11 ± 2.24	14 ± 2.54	12 ± 3.02	10 ± 2.13
Spikelets per panicle (no.)	103 ± 7.50	82 ± 10.02	137 ± 17.59	105 ± 5.78
Fertility ratio (%)	70.3 ± 5.56	67.8 ± 11.70	53.1 ± 9.47	67.8 ± 9.13
1000 grain weight (g)	25 ± 1.66	24 ± 1.91	26 ± 2.87	26 ± 3.59
Seed length / width	2.1 ± 0.18	2.2 ± 0.28	2.3 ± 0.38	2.2 ± 0.19
Amylose content (%)	4.7 ± 1.79	4.3 ± 1.73	5.9 ± 3.29	4.9 ± 2.65
A.D.V. (1~7)	3.4 ± 1.35	4.2 ± 1.45	3.9 ± 1.20	4.1 ± 0.74

는데, 미국 수집종과 대부분의 *indica* 형 유전자원들과 amylose 함량이 높은 유전자원들이 III 군에 분류되었으며, IV 군에는 10종(9%)이 분류되었다.

찰벼 유전자원 111개의 RAPD 분석을 위해 찰벼 DNA의 최적 PCR 반응조건을 살펴본 결과, DNA 8 ng/μl, Primer 3 μl, Taq polymerase 0.5 μl를 이용하여 35°C의 annealing 온도로 반응시키는 것이었다.

Operon 사의 10-mer로 구성된 80개의 Primer를 사용하여 재현성이 있으면서 다형성이 높은 Primer를 탐색한 결과 Primer 80개 중에서 밴드가 분명하고 다형성이 높은 15개 Primer를 선발하였다(Table 3). 선발된 Primer의 G+C 함량은 60~70% 였는데, 일반적으로 염기구성은 DNA 증폭에 많은 영향을 미치고, G+C의 함량이 많을수록 DNA 증폭에 유리한

것으로 알려져 있다

증폭된 PCR 산물들은 200~2500 bp 까지 다양하였으며, 총 117개의 DNA밴드를 얻었는데, 그 중 다형성을 보인 band는 81개로 69.2% 였다. 각 Primer에 의해 증폭된 밴드의 수는 5~12개로 다양하였으며, 평균 7.8개의 DNA 밴드가 증폭되었다. 이러한 결과는 우리나라 육성 Japonica 벼품종(권 등, 1999)의 3.54개 보다 크게 높았다. 이것은 많은 Primer들 중 다형성이 높은 것들만 선발했기 때문이라고 생각한다.

RAPD에 의해 증폭된 117개 밴드를 가지고 원산지가 다양한 찰벼유전자원의 유연관계를 분석하고, Dendrogram에서 유연계수 0.78을 기준으로 하여 구분한 결과 9개 군으로 분류되었다(Fig. 3, Table 4). 일본에서 수집된 유전자원들은 모든 군에 포함되어 있었고, *indica*형 유전자원들을 모두 I군에 포함되었는데, 미국, 대만, 필리핀 등 원산지가 다양했다 전체 유전자원의 77% (85종)가 I군에 속하였으며 그 외의 군에 23%가 속하였다. 특히 국내에서 수집된 유전자원들을 대부분 소군인 III~IX에 포함되어 있었다 조생형 유전자원들도 대부분 I군에 포함되어 있었는데, II~IX까지는 2~6개의 유전자원이 포함된 소군이였다.

이상의 결과를 종합해보면, 형질에 의하여 유전자원을 구분하였을 때는 크게 4개군으로 분류되었고 출수생태에 따른 분류가 가능하였으나, 원산지에 따른 일정한 경향이 없었다. 그러나 RAPD 분석에 의한 분류에서는 I군이 미국, 대만, 필리핀의 유전자원을 대부분 포함하였고, 국내수집 유전자원들은 소군인 III~IX군에 대부분 포함되어 있어 원산지 별로 구분되었다.

적 요

국내·외 찰벼 111개 유전자원을 공시하여 수량구성요소, 아밀로스 함량, 알칼리 붕괴도등 작물학적 형질과 RAPD 분석을 통하여 유전적 다양성을 검토하였고, 이들을 이용한 유

Table 3. Primer sequences and number of PCR products.

Primer	Nucleotide sequence (5' to 3')	No. of amplified DNA bands	No of polymorphic bands
OPC7	-GTCCCGACGA-	7	5
OPC11	-AAAGCTGCGG-	9	6
OPB11	-GTAGACCCGT-	10	6
OPB9	-TGGGGGACTC-	5	4
OPB20	-GGACCCTTAC-	5	4
OPAB2	-GGAAACCCCT-	8	5
OPA19	-CAAACGTCGG-	8	6
OPB8	-GTCCACACGG-	6	5
OPC15	-GACGGATCAG-	12	7
OPAB19	-ACACCGATGC-	11	10
OPC20	-ACTTCGCCAC-	6	4
OPC9	-CTCACCGTCC-	8	6
OPC4	-CCCCATCTAC-	7	4
OPAB3	-TGGCGCACAC-	6	5
OPAB11	-GTGCGCAATG-	9	4
Total		117	81

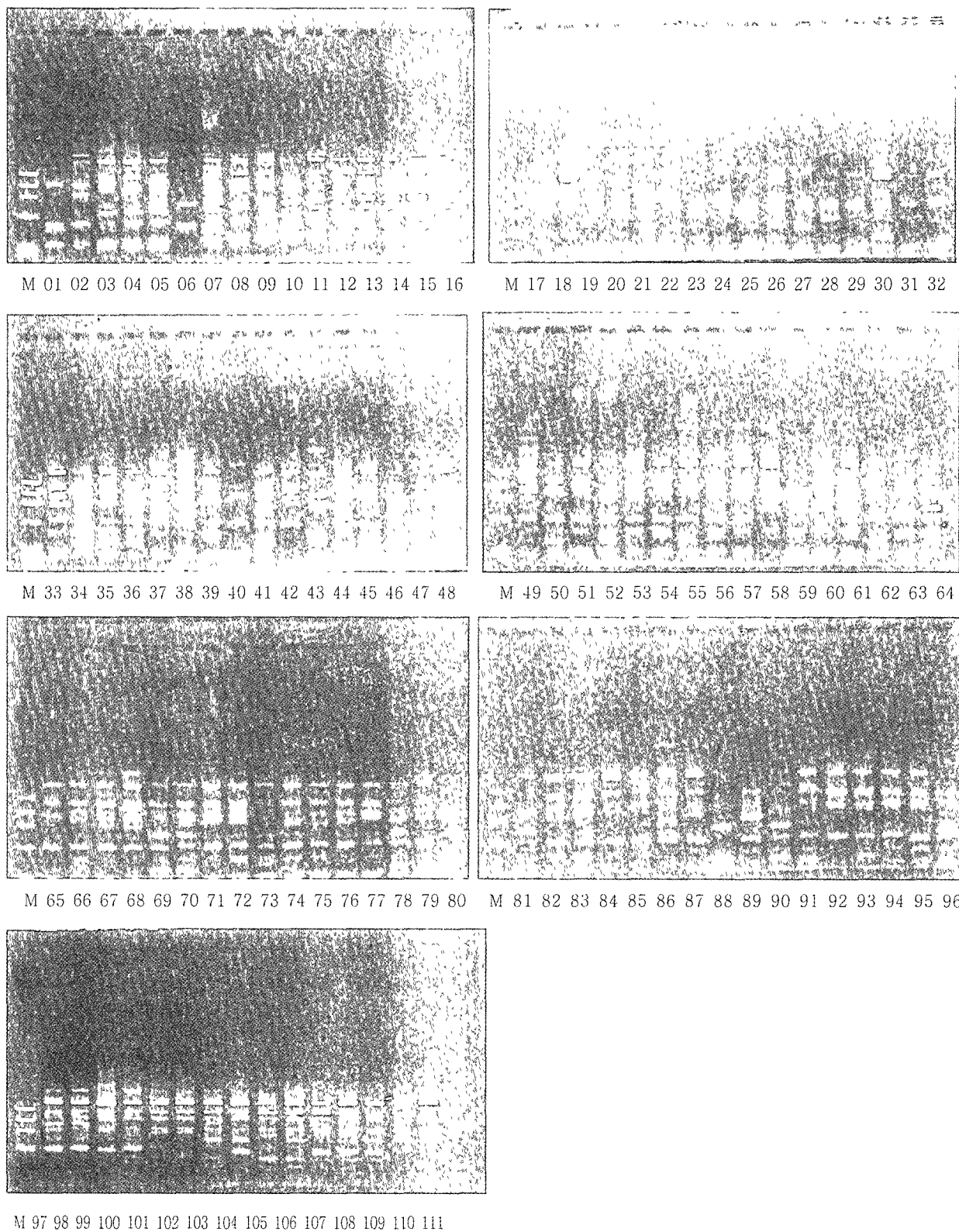


Fig. 2. RAPD profiles of 111 glutinous rice collections using primer OPA 19.

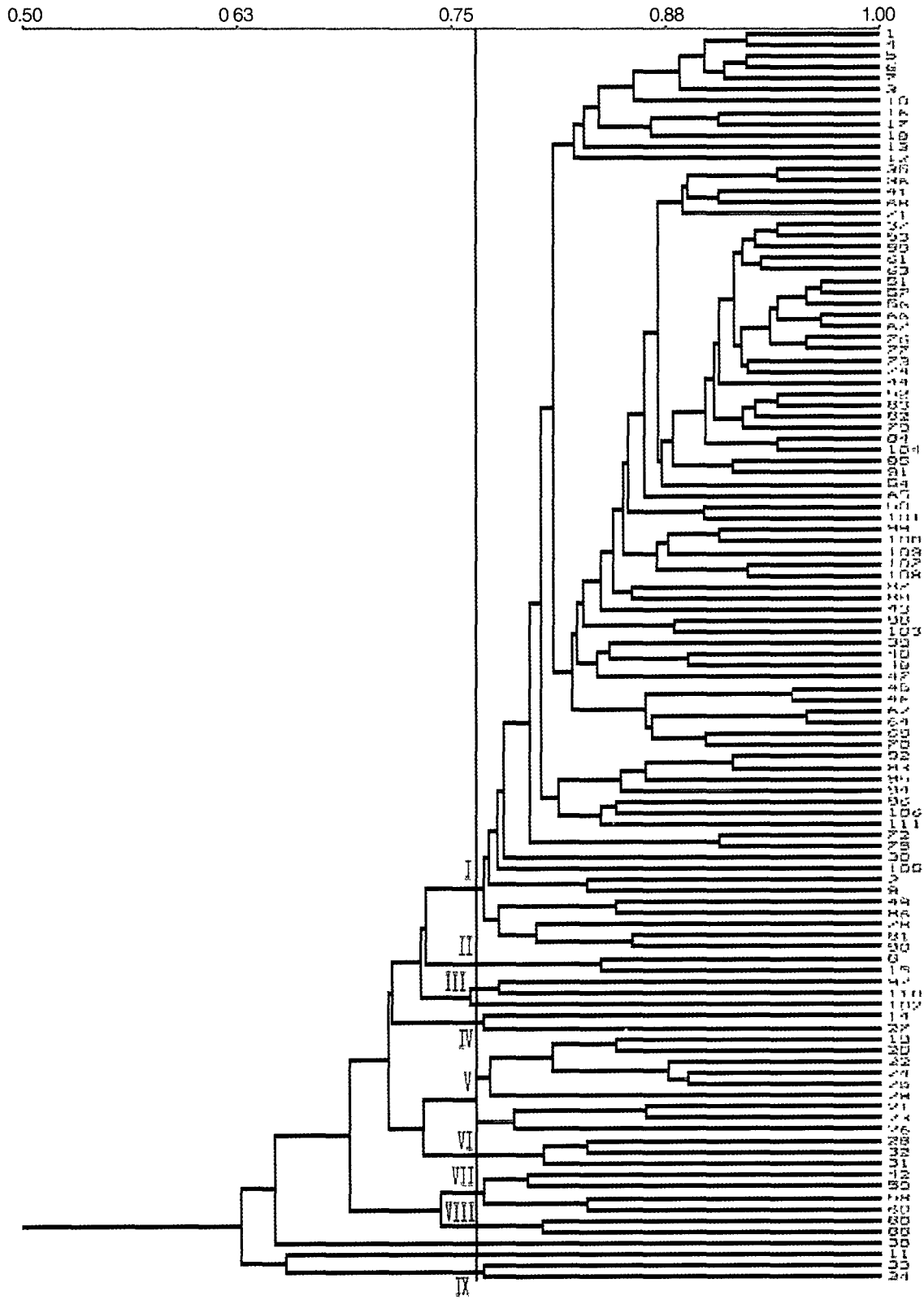


Fig. 3. Phylogenetic tree of III glutinous rice collections based on RAPD analysis. The number refer to the entry number in Table 1

Table 4. Mean value and standard deviation of 12 agronomic characters of 9 groups of glutinous rice collections based on RAPD.

Character	I	II	III
No of collenctions	85	2	2
Days to heading (days)	71.2 ± 10.07	74.0 ± 5.00	82.0 ± 2.00
Plant hight (cm)	119.2 ± 11.82	114.0 ± 10.05	111.50 ± 4.00
Culm length (cm)	98.8 ± 10.82	96.8 ± 9.15	89.9 ± 0.50
Panicle length (cm)	20.4 ± 3.71	17.20 ± 0.90	21.6 ± 3.50
Panicles per hill (no.)	12.3 ± 2.69	12.17 ± 1.17	9.3 ± 0.67
Spikelets per panicle (no.)	106.0 ± 16.23	112.4 ± 0.75	126.9 ± 4.69
Fertility ratio (%)	67.0 ± 9.35	56.8 ± 4.51	60.7 ± 2.37
1000 gram weight (g)	25.1 ± 2.11	23.3 ± 2.60	32.2 ± 1.07
Seed length / width	2.20 ± 0.27	1.78 ± 0.14	2.03 ± 0.05
Amylose content (%)	5.0 ± 2.34	4.3 ± 0.77	4.0 ± 0.53
A.D.V (1~7)	3.9 ± 1.30	4.5 ± 1.50	3.0 ± 0.00
Character	IV	V	VI
No.of collenctions	2	9	3
Days to heading (days)	62.0 ± 0.00	61.0 ± 7.11	75.0 ± 8.67
Plant hight (cm)	117.2 ± 11.90	116.0 ± 10.79	120.2 ± 7.47
Culm length (cm)	96.8 ± 14.50	94.4 ± 11.94	101.1 ± 3.22
Panicle length (cm)	20.4 ± 2.60	21.7 ± 3.10	19.1 ± 4.24
Panicles per hill (no.)	9.5 ± 1.17	10.0 ± 2.85	12.4 ± 2.07
Spikelets per panicle (no.)	96.7 ± 8.52	90.9 ± 10.68	85.7 ± 6.97
Fertility ratio (%)	43.7 ± 4.35	62.4 ± 11.99	78.7 ± 6.30
1000 gram weight (g)	28.5 ± 1.38	23.1 ± 1.83	25.7 ± 0.09
Seed length / width	1.82 ± 0.02	1.99 ± 0.17	1.90 ± 0.08
Amylose content (%)	3.5 ± 0.07	3.7 ± 0.49	3.9 ± 0.47
A.D.V. (1~7)	3.0 ± 1.00	2.4 ± 0.69	4.7 ± 1.11
Character	VII	VIII	IX
No.of collenctions	4	2	2
Days to heading (days)	82.8 ± 3.63	70.5 ± 7.50	71.5 ± 9.50
Plant hight (cm)	108.8 ± 10.30	92.3 ± 9.10	119.0 ± 20.50
Culm length (cm)	87.6 ± 9.75	74.7 ± 12.25	96.5 ± 17.45
Panicle length (cm)	21.2 ± 1.00	17.7 ± 3.15	22.6 ± 3.05
Panicles per hill (no.)	12.8 ± 1.33	12.5 ± 0.17	8.0 ± 0.33
Spikelets per panicle (no.)	134.1 ± 18.03	97.3 ± 1.25	146.0 ± 33.17
Fertility ratio (%)	52.1 ± 7.41	72.7 ± 0.15	57.9 ± 14.40
1000 gram weight (g)	23.6 ± 1.56	21.6 ± 1.26	24.3 ± 0.18
Seed length / width	1.97 ± 0.08	2.02 ± 0.07	1.92 ± 0.11
Amylose content (%)	9.7 ± 5.81	3.4 ± 0.09	3.0 ± 0.18
A.D.V. (1~7)	4.8 ± 1.75	4.5 ± 0.50	3.0 ± 1.00

연관계 분석에 기초하여 품종군을 분류한 결과는 다음과 같다.

1 작물학적 형질을 이용한 군집분석에서 찰벼 유전자원은 4개 군으로 분류되었으며, I군에는 51종(46%)이 차지하였으며, II군과 III군에 각각 25종(22.5%), IV군에는 10종(9%)이 속하였다. 특히 국내 수집종은 I, II군에 대다수 포함되었고, III군에는 *indica* 유전자원과 amylose 함량이 높은 유전자원들이 대부분이 포함되었다

2 RAPD 분석을 통해 선발된 15개의 primer로 부터 117개

의 밴드를 얻었고, 이 중 다형성 밴드는 81개 (69.2%) 였다. 선발된 primer에서 증폭된 밴드의 수는 5~12개로 찰벼 유전자원은 평균 7.8개 였다.

3 RAPD에 의한 군집 분석시 9개 군으로 분류되었다. 전체 유전자원의 77%가 I군에 속하여 가장 큰 품종군으로 분류되었고, 그 외 II-IX 군은 소군으로서 23%가 속하였다. 특히 I군에는 *indica* 형과 조생종들이 많았고, 소군인 III-IX 군에는 국내수집 유전자원들이 대부분이었다.

인용문헌

- Aggarwal, R. K., D. S. Brar, S. Nandi, N. Huang, and G. S. Khush 1999 Phylogenetic relationships among *Oryza* species revealed by AFLP markers. *Theor Appl Genet* 98 : 1320-1328
- Brown, A. H. D. 1990 The role of isozyme studies in molecular systematics. *Aust Syst Bot* 3 : 39-46.
- 은무영, 조용구, 김영우, 신경옥, 김용권, 정태영 1991. 벼유용 유전자의 생화학적 탐색연구 농촌진흥청 농업유전공학연구소 시험연구보고서 40-82
- 은무영, 김용권, 조용구, 김영우, 정태영, 최해춘 1990. 한국벼 재래종의 등위효소 형태특성에 의한 품종구분 *한육지* 21(4) : 293-299
- Ji, H. S., H. J. Koh, S. U. Park, and S. R. McCouch. 1998 Varietal identification in Japonica rice using microsatellite DNA markers *Korean J. Breeding* 30(4) : 350-360.
- Juhano, Bo 1971. A simplified assay for milled rice amylose *Cereal Sci Today* 16 : 334-340.
- 강희완, 조용구, 윤용환, 은무영 1998 벼 반립종자 추출 DNA를 이용한 유전자형 분석 *한육지* 30(1) : 1-7.
- Kwon, S. J., S. N. Ahn, H. C. Choi, and H. P. Moon 1999 Evaluation of genetic relationship and fingerprinting of rice varieties using microsatellite and RAPD markers. *Korean J Crop Sci* 44(2) : 112-116
- 권수진, 안상낙, 홍하철, 김연규, 황홍구, 최해춘, 문헌팔 1999 우리나라 육성 Japonica 벼품종의 유전적 다양성 *한육지* 31(3) : 268-275
- 권수진, 안상낙, 서정필, 홍하철, 김연규, 황홍구, 문헌팔, 최해춘. 2000. 우리나라 재래벼의 유전적 다양성 *한육지* 32(2) : 186-193
- 임용우, 홍병희, 남중현, 남문웅, 박광근, 신정섭, 1995 RAPD를 이용한 보리·밀속간 교잡종의 보리유전자 도입확인 *한육지* 27(4) : 417-422
- Mukai, Y., Y. Suyama, Y. Tsumura, T. Kawahara, H. Yoshimaru, T. Kond, N. Tomaru, N. Kuramoto, and M. Murai 1995. A linkage map for Sugi (*Cryptomeria Japonica*) based of RFLP, RAPD and isozyme loci. *Theor Appl Genet*. 90 : 835-840.
- Olufowote, J. O., Y. Xu, X. Chen, W. D. Park, H. M. Beachell, R. H. Dilday, M. Goto, and S. R. McCouch 1997 Comparative evaluation of within-cultivar variation of rice (*Oryza sativa L.*) using microsatellite and RFLP markers *Genome* 40 : 370-378
- Roman, B., D. Rubiales, A. M. Torres, J. I. Cubero, and Z. Satovic 2001. Genetic diversity in *Orobanche crenata* populations from southern Spain *Theor. Appl Genet* 103 : 1108-1114
- 서정필, 안상낙, 문헌팔, 서학수. 1999 잡초성 벼의 저온 발아성에 관여하는 양적형질 유전자좌 (QTL) 분석 *한육지* 31(3) : 261-267
- Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski, and S. V. Tingey. 1990 DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18 : 6531-6535
- Wu, K. S. and S. D. Tanksley 1993 Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice *Mol. Gen. Genet* 241 : 225-235
- Yu L. X. and H. T. Nguyen 1994. Genetic variation detected with RAPD markers among upland and lowland rice cultivars (*Oryza sativa L.*). *Theor Appl. Genet.* 87 : 668-672